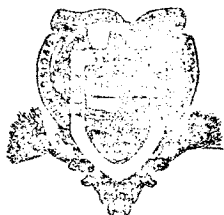


COLECCION RECIPROCA RECURRENTE EN DOS
POBLACIONES DE MAIZ (*Zea mays* L.)
DE AMPLIA BASE GENETICA PARA EL
TROPICO SECO MEXICANO

Universidad Autónoma Agraria
"ANTONIO NARRO"

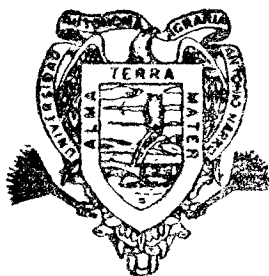


BIBLIOTECA

MA. GUADALUPE ALMAGUER SIERRA

T E S I S

PRESENTADA COMO REQUISITO PARCIAL
PARA OBTENER EL GRADO DE
MAESTRO EN CIENCIAS
EN FITOMEJORAMIENTO



Universidad Autónoma Agraria
Antonio Narro

PROGRAMA DE GRADUADOS

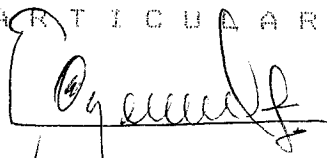
Buenavista, Saltillo, Coah.

ENERO DE 1990

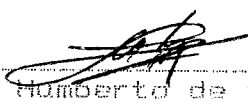
Tesis elaborada bajo la supervisión del comité particular de asesoria y aprobada como requisito parcial para optar al grado de


MAESTRO EN CIENCIAS EN
FITOMEJORAMIENTO

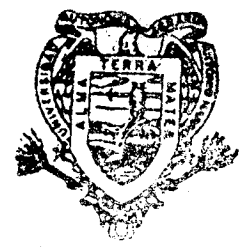
COMITE PARTICULAR

Asesor principal: 
Ing. M.C. Arnoldo Oyervides Garcia

Asesor: 
Ph. D. Eleuterio López Pérez

Asesor: 
Ing. M.C. Humberto de León Castillo.


Ph. D. Eleuterio López Pérez
Subdirector de Asuntos de Postgrado



BIBLIOTECA
EGIDIO G. REBÓN
BANCO DE TEXAS
U.A.A.A.N.

Buenavista, Saltillo, Coahuila. Enero 1990

AGRADECIMIENTOS

A la Universidad Autónoma Agraria Antonio Narro por haberme brindado la oportunidad de realizar mis estudios de Postgrado.

Al Ing.M.C. Sergio A. Rodríguez Herrera, por haberme brindado la oportunidad y apoyo para realizar la presente investigación.

Al Ing.M.C. Arnoldo Oyervides García, por sus sugerencias y gran interés mostrado en la realización de este estudio.

Al Dr. Eleuterio López Pérez, por su acertada participación en la revisión y corrección de este trabajo de investigación.

Al Ing. M.C. Humberto De León Castillo, por su participación en la revisión y corrección de la presente investigación.

A Antonio, por su incondicional apoyo durante la realización de mis estudios así como la revisión y sugerencias del presente escrito.

A todas las personas que directa o indirectamente colaboraron en la realización de la presente investigación.

DEDICATORIA

A la memoria de mi madre

A mi padre por el cariño y apoyo
brindado siempre

A mis hermanos con el cariño
que nos une

A Antonio...

A mis amigas Betty, Patty y Juanita

COMPENDIO

Selección Recíproca Recurrente en Dos Poblaciones de Maíz
(*Zea mays* L.) de Amplia Base Genética para el Trópico
Seco Mexicano

P O R

MARIA GUADALUPE ALMAGUER SIERRA

MAESTRIA

FITOMEJORAMIENTO

UNIVERSIDAD AUTONOMA AGRARIA ANTONIO NARRO

BUENAVISTA, SALTILLO, COAHUILA. ENERO 1990

Ing. M.C. Arnoldo Dyervides García -Asesor-

Palabras clave: maíz, selección recíproca recurrente,
familias de medios hermanos.

Con el propósito de aprovechar al máximo la heterosis existente en los complejos germoplásmicos de maíz formados con poblaciones de diferente origen, por el Instituto Mexicano del Maíz de la Universidad Autónoma Agraria Antonio Narro, se inició un programa de Selección Recíproca Recurrente para lo cual se derivaron líneas que fueron sembradas en Tepalcingo, Mor. con el fin de obtener las familias de medios hermanos.

Las familias generadas se sembraron para su evaluación en Celaya, Gto, Ursulo Galván, Ver. y Torreón, Coah.,

estableciéndose dos experimentos por localidad; el experimento I formado por el complejo germoplásmico cristalino como probador de las líneas dentadas y el experimento II constituido por el complejo germoplásmico dentado como probador de las líneas cristalinas.

La evaluación tuvo como objetivos: mejorar simultáneamente dos complejos germoplásmicos de amplia base genética que presentan heterosis en diversas características agronómicas, determinar los parámetros genéticos y predecir el avance genético bajo selección recíproca recurrente.

Los resultados obtenidos nos indican en forma general, que en ambos complejos germoplásmicos existe variabilidad genética. Asimismo, la existencia de significancias para todos los caracteres medidos en los dos complejos germoplásmicos sugieren la existencia de familias de buen comportamiento que permiten sean seleccionadas las líneas adecuadas para su recombinación.

De acuerdo a los valores obtenidos en los coeficientes de variación genética, para ambos complejos, los caracteres para los cuales se espera un mayor avance genético en base a la cantidad de variación que presentan son: mala cobertura (30.024 por ciento), acame de raíz (21.372 por ciento) y de tallo (15.553 por ciento).

La heredabilidad del rendimiento en los complejos cristalino y dentado (0.396 ± 0.099 y 0.500 ± 0.080 respectivamente) son un tanto elevados considerando que este caracter está controlado por un sistema poligénico que es muy influenciado por el medio ambiente.

La estimación de la ganancia genética por ciclo esperada mediante selección recíproca recurrente para el caracter rendimiento, para este primer ciclo de selección es de 1.203 ton/ha.

ABSTRACT

Reciprocal Recurrent Selection in Two Populations of Maize
(*Zea mays* L.) of Wide Genetic Base for Mexican Dry Tropic

BY

MARIA GUADALUPE ALMAGUER SIERRA

MASTER OF SCIENCE

PLANT BREEDING

UNIVERSIDAD AUTONOMA AGRARIA ANTONIO NARRO

BUENAVISTA, SALTILLO, COAHUILA. JANUARY 1990

Ing.M.C. Arnoldo Oyervides García-Advisor-

Key words:Maize,reciprocal recurrent selection, half sib
families

A program of reciprocal recurrent selection was performed to make the best use of the existent heterosis in maize germoplasm compounds formed with populations of different origin by the Mexican Institute of Maize at Universidad Autonoma Agraria Antonio Narro.Lines were derived and sown at Tepalcingo,Morelos with the purpose of obtaining the half sib families.

The families generated were grown for their evaluation at Celaya,Guanajuato;Ursulo Galvan,Veracruz and Torreon,Coahuila,Mexico;two experiments were established in

each location. Experiment I was formed by the crystalline germoplasm compound as tester of the dent lines and experiment II was formed by the dent germoplasm compound as tester of the crystalline lines.

The evaluation had the following objectives: simultaneously improvement of two germoplasm compounds of wide genetic base that present heterosis in several agronomic characteristics; to determine the genetic parameters and measure the genetic gain under reciprocal recurrent selection.

The results obtained indicate, in a general form, that in both germoplasm compounds there is genetic variability. Likewise, the existence of significances for all the traits measured in both germoplasm compounds, suggest the existence of families of good behavior that permit the selection of adequate lines for recombination.

According to the values obtained in the coefficients of genetic variation, for both compounds, the traits in which a greater genetic advanced is expected, according to their genetic variance are: poor coverage (30.024 percent) of root lodging (21.323 percent) and stem lodging (15.553 percent).

The heredability of the yield in the crystalline and dent compounds (0.396 ± 0.099 y 0.500 ± 0.080 respectively) are over estimated considering that this trait is controlled by a poligenic system that is very much influenced by the environment.

The estimation of genetic gain for the first cycle expected by the reciprocal recurrent selection for yield was 1.205 tons per hectare.

INDICE DE CONTENIDO

	Página
INDICE DE CUADROS.....	xii
INTRODUCCION.....	1
REVISION DE LITERATURA.....	3
- MEJORAMIENTO POBLACIONAL.....	3
- HETEROSIS.....	5
- SELECCION RECIPROCA RECURRENTE.....	9
- CORRELACIONES.....	14
- CORRELACIONES EN MAIZ.....	15
MATERIALES Y METODOS.....	17
- MATERIAL GENETICO.....	17
- PROCEDIMIENTO EXPERIMENTAL.....	20
- ANALISIS ESTADISTICO.....	23
RESULTADOS.....	30
DISCUSION.....	47
CONCLUSIONES.....	56
RESUMEN.....	58
LITERATURA CITADA.....	60

INDICE DE CUADROS

Cuadro No	Página
3.1. Descripción de los complejos	18
3.2. Coordenadas y tipo de clima	21
3.3. Componentes del análisis de varianza	24
3.4. Componentes del análisis de covarianza ...	25
4.1. Cuadrados medios. Experimento I	31
4.2. Cuadrados medios. Experimento II	34
4.3. Estimaciones de las varianzas. Exp. I	37
4.4. Estimaciones de las varianzas. Exp. II ...	38
4.5. Coeficientes de variación. Exp. I	40
4.6. Coeficientes de variación. Exp. II	42
4.7. Coeficientes de correlación. Exp. I	45
4.8. Coeficientes de correlación. Exp. II	46

I N T R O D U C C I O N

El mejoramiento genético de plantas, se basa en el proceso de selección, mediante el cual se aumenta la frecuencia génica de caracteres deseables en una misma población. Por lo que su eficiencia dependerá en gran medida de la variabilidad genética que exista en el material básico, de la heredabilidad de los caracteres, así como del método de selección a utilizar.

El mejoramiento interpoblacional es una buena alternativa a considerar en el diseño de programas de selección en maíz, ya que permite mejorar dos poblaciones genéticamente diferentes a un mismo tiempo, además de proporcionar inferencias sobre la combinación de dos progenies diferentes, las cuales se pueden usar en un programa de hibridación.

El esquema de selección recíproca recurrente favorece la explotación de los efectos génicos aditivos, epistáticos, de dominancia y sobredominancia, lo cual significa la totalidad de varianza genética presente en las fuentes a mejorar, asimismo constituye una ventaja y una justificación a la alta inversión de recursos económicos y humanos durante su aplicación.

Las investigaciones, por otro lado, se han encaminado a evaluar secuencialmente poblaciones que permiten una mejor identificación del germoplasma a utilizar en programas de selección recurrente y conjuntar complejos germoplásmicos de acuerdo a su diversidad genética y aptitud combinatoria, que lleven a la obtención de variedades mejoradas, cruzas intervarietales y derivación de líneas con mayor potencial heterótico para la formación de híbridos comerciales.

La importancia del presente estudio, está fundamentada en las ventajas que ofrece el método de selección recíproca recurrente, en la gran variabilidad genética presente en caracteres cuantitativos de diferentes poblaciones de malz, así como en la necesidad de lograr la autosuficiencia en este cereal básico.

Los principales objetivos de aplicar el método de selección recíproca recurrente fueron:

- El mejoramiento simultáneo de dos complejos germoplásmicos de amplia base genética que presentan heterosis interpoblacional.
- Determinación de parámetros genéticos en las dos poblaciones.
- Predicción del avance genético por selección recíproca recurrente.

REVISIÓN DE LITERATURA

Mejoramiento Poblacional

La variación que se presenta en caracteres cuantitativos en las poblaciones de plantas, es explotada por el mejoramiento poblacional, el que puede ser realizado a través del mejoramiento intrapoblacional e interpoblacional. En el primero se explotan básicamente los efectos aditivos, en tanto que en el segundo se explotan, además de los efectos aditivos, los no aditivos.

Un sistema de mejoramiento de maíz, desarrollado por Eberhart et al (1967) y usado en Kenia, permite liberar variedades comerciales mediante las siguientes formas: 1) la cruce de dos poblaciones como un híbrido de cruce varietal; 2) híbridos de cruce simple, doble o de tres líneas endocriadas, desarrolladas del material élite después de cada ciclo de selección; y 3) una variedad sintética derivada de la generación avanzada de las cruces poblacionales. Posteriormente Hallauer y Eberhart (1970) sugirieron la selección recíproca recurrente entre hermanos completos, como un método de mejoramiento interpoblacional y para derivar nuevas líneas de las dos poblaciones bajo selección.

Los resultados de la selección recurrente para aptitud combinatoria específica, reportada por Walejko y Russell (1977) después de cinco ciclos de selección, en las poblaciones Lancaster y Kolkmeier indican que hubo un incremento no significativo en el rendimiento de las poblaciones per se, en tanto, que la ganancia obtenida por ambas poblaciones, cuando se usaron probadores fue de 2.5 q/ha.

Hallauer y Miranda (1981), señalan que todo programa de mejoramiento genético poblacional de maíz, debe utilizar por lo menos dos poblaciones de amplia base genética, de buena producción y que exhiban heterosis, con el fin de mejorar intrapoblacionalmente cada población, además de aprovechar la heterosis con la cruz varietal $C_n \times C_n$, o bien combinar las mejores líneas derivadas del C_n para una máxima explotación de la heterosis.

En un estudio de Oyervides et al (1984), se evaluaron poblaciones de México y los Estados Unidos mejoradas por selección recurrente, encontraron que las poblaciones de la Faja Maicera de los E.U., se comportaron mejor en México, que las poblaciones mexicanas en la Faja Maicera. Asimismo, las poblaciones de la Faja Maicera mostraron tener mejor adaptación a ambientes mexicanos, que las poblaciones mexicanas a los ambientes de la Faja Maicera. En tanto que, Gutiérrez et al (1985), evaluaron el comportamiento de

cruzas entre poblaciones tropicales de maíz y las poblaciones BS 13 (S) C3 y el compuesto Lancaster de la Faja Maicera de los E.U. con el fin de utilizar la heterosis entre poblaciones de diferente origen. Mencionan que las cruzas de poblaciones tropicales con el probador BS 13 (S) C3 fueron superiores a las del compuesto Lancaster en todas las localidades de prueba, por lo que formaron dos complejos germoplásmicos, sugiriendo que fueran explotados mediante el esquema de selección recíproca recurrente.

Santos y Naspolini (1987), aplicaron selección tanto entre como dentro de familias de medios hermanos, derivados de una población de maíz y concluyeron que el procedimiento usado incrementó el rendimiento, pero que se requiere una presión de selección más rigurosa para los ciclos tardíos. En otro trabajo Helms (1987) utilizó los métodos de selección recurrente; selección de familias de medios hermanos, de líneas S2 per se y selección recíproca recurrente. Determinó que los tres métodos incrementaron el rendimiento de grano, pero que los dos primeros procedimientos mencionados, fueron más fácilmente aplicados.

Heterosis

La heterosis es el resultado que se obtiene en la manifestación de una característica por arriba de la media de dos progenitores, cuando éstos se combinan en una craza.

El concepto de heterosis de maíz, se empezó a usar con los trabajos de Shull (1908), tendientes a estudiar la composición de un lote de maíz.

Entre las hipótesis que han sido postuladas con el fin de explicar las bases genéticas del fenómeno de la heterosis sobresalen dos: 1) Shull (1908) sugirió que la heterosis, se debe a una estimulación fisiológica en el heterocigoto, esta teoría generalmente se identifica como la teoría de sobredominancia, debida a interacciones interalélicas o tipo de acción genética no aditiva; y 2) la teoría de la dominancia presentada por Bruce (1910) y posteriormente por Jones (1917), la cual indica que la heterosis se debe a una acumulación de genes favorables dominantes en el híbrido.

Moll et al (1961) estudiaron la diversidad genética y heterosis de variedades de maíz, provenientes del Sureste y Oeste medio de los E.U., así como de Puerto Rico. Los resultados indicaron que la mayor diversidad genética de las variedades progenitoras, está asociada con la mayor heterosis exhibida por las cruzas varietales. Sugirieron además, que las cruzas entre material genético ampliamente divergente puede tener gran utilidad para aumentar la heterosis del rendimiento.

Con el objetivo de estimular los efectos génicos acumulativos y la heterosis, para cinco caracteres

agronómicos, Cortéz et al (1985) llevaron a cabo una evaluación de poblaciones de maíz de amplia base genética. Los resultados señalaron a los efectos de dominancia como los factores que más contribuyeron a la expresión del rendimiento de grano, reportan además una heterosis altamente significativa, con una contribución de 2.8 por ciento a la variación total entre las medias generacionales.

En un estudio posterior sobre heterosis, hecho por Prasad y Singh (1986) con poblaciones de origen geográfico diferente, concluyeron que la diversidad genética no debe ser el único criterio para seleccionar progenitores para hibridación. Por lo que sugieren considerar el comportamiento per se para estimar la heterosis.

Alvarado (1987) determinó la magnitud de los componentes de heterosis en cultivos de maíz, así como la contribución relativa de los efectos genéticos aditivos y de dominancia. Encontró que los efectos genéticos de dominancia mostraron la mayor contribución a la variación total y que la heterosis promedio tuvo el efecto más importante sobre el valor heterótico mostrado por las cruzas. Con el fin de estimar la heterosis, Castellanos et al (1987) efectuaron cruzas dialélicas y las evaluaron en dos experimentos; uno incluía ocho líneas S de maíz de grano amarillo y el otro diez líneas de grano blanco. Reportan en los dos

experimentos diferencias altamente significativas, tanto para la aptitud combinatoria general como para la específica. En cuanto a heterosis encontraron hasta un 242 y 277 por ciento mayor en cada uno de los experimentos.

Un dialélico entre trece poblaciones de maíz, fue realizado por Crossa et al (1987); que incluían poblaciones adaptadas, las cruces de adaptadas por exóticas y compuestos de adaptadas exóticas. Consideraron a los caracteres rendimiento de grano y altura de planta en los progenitores, híbridos y testigos, encontrando que los efectos genéticos aditivos estimaron un 60 por ciento de la variación total entre poblaciones, en rendimiento de grano, y un 86 por ciento en la variación en altura de planta. Los componentes de heterosis fueron significativos en el análisis combinado para ambas características.

En un estudio hecho por Vasal et al (1987) sobre heterosis y aptitud combinatoria en germoplasma tropical de maíz. Reportan que la heterosis estimada con respecto al progenitor superior en las cinco combinaciones híbridas se encontró entre 107 y 120 por ciento. Entre tanto que, las cruces Pab. 65 x PR 7737 y Pab. 63 x PR 7737 resultaron con efectos de aptitud combinatoria general positivos y significativos.

Selección Recíproca Recurrente

El conocimiento que se tiene sobre la heterosis, ha permitido diseñar diversos sistemas de selección interpoblacional, tal es el caso del esquema de selección recíproca recurrente mediante el cual se explota la combinación híbrida entre dos poblaciones que exhiben heterosis, previamente determinada.

El esquema de selección recíproca recurrente (SRR) propuesto por Comstock et al (1949), tiene la finalidad de mejorar el comportamiento de la cruce entre dos poblaciones, incluyendo la selección para aptitud combinatoria general y específica. Dicho procedimiento involucra dos fuentes fundamentales A y B. El desarrollo es autofecundar determinado número de plantas de la fuente A y cruzarlas con una muestra de plantas de la fuente B. Asimismo plantas de la fuente B son autofecundadas y polinizadas con plantas de la fuente A. Los dos grupos de mestizos son evaluados en forma separada en la siguiente generación y en base a su comportamiento se seleccionan las entradas superiores de cada ensayo. Se siembra la semilla remanente de las autofecundaciones superiores y se realizan los cruzamientos posibles entre líneas dentro de cada fuente, lo que constituirá el material para la repetición del ciclo.

En relación al método original de Selección Recíproca Recurrente, Paterniani (1967) sugirió una modificación a éste, en donde la principal diferencia es: que los individuos tienen un parentesco con los primos, además de medios hermanos, mientras que en el procedimiento original, el parentesco es de medios hermanos.

Hallauer (1970) reporta un incremento en el rendimiento, después de cuatro ciclos de SRR, en dos variedades sintéticas de maíz, así como una disminución en la variación genética. En tanto que, en las variedades de maíz Jarvis e Indian Chief, Moll y Stuber (1971) también obtuvieron incrementos en el rendimiento, mediante el uso de SRR. Señalan además que la selección interpoblacional incrementa la heterosis de las cruza poblacionales. En otro estudio después de cinco ciclos de SRR, sobre dos sintéticos de maíz Penny y Eberhart (1971) obtuvieron rendimientos superiores en la crusa intervarietal y en una de las variedades progenitoras.

Darrah et al (1972) después de cuatro años de SRR, obtuvieron un rápido incremento en el rendimiento de una variedad parental, en las cruza varietales y en mestizos de una variedad comercial de maíz. Encontraron también una asociación entre el número de mazorcas por planta y el aumento de rendimiento en el procedimiento de SRR. Por otro lado Eberhart et al (1973) realizaron una evaluación del

progreso de cinco ciclos de SRR, en la que encontraron una asociación lineal entre la ganancia de rendimiento y el número de ciclos de selección, en las cruces interpoblacionales.

El tratar de eficientizar al máximo un determinado procedimiento de mejoramiento, es una de las funciones básicas del fitomejorador, por lo que Rusell y Eberhart (1975) sugirieron que la SRR se conduzca usando como probadores líneas endocriadas en lugar del uso de las poblaciones opuestas, o de lo contrario cruzar plantas de la población A con una línea probadora de la población B y viceversa.

Covarrubias (1977) evaluó híbridos de maíz derivados del híbrido comercial H-309 através de SRR, con el objetivo de seleccionar híbridos dobles superiores al original, en cuanto a: rendimiento, caracteres agronómicos y adaptación. Detectó treinta y siete híbridos dobles que superaron el rendimiento de H-309 en un 14 por ciento y con mejor adaptación a la zona de evaluación. En tanto que Moll et al (1977) señalan que las posibilidades de obtener un mejor híbrido, son mayores en las poblaciones mejoradas que en las originales.

La evaluación del rendimiento de familias de hermanos completos generados por SRR, fue realizada por Hallauer (1978) después de tres ciclos de selección. Encontró que

los rendimientos de grano se incrementaron significativamente en las poblaciones per se y sus cruzas, lo que también fue encontrado por Obilana et al. (1979) en otro estudio.

Una nueva modificación al método SRR original fue propuesta por Paterniani y Vencovsky (1978) la cual se basa en medios hermanos de plantas prolíficas. La diferencia principal en este caso es que la unidad de recombinación es una familia de medios hermanos en lugar de líneas S1. Mientras que con el fin de acortar el ciclo de la SRR de tres generaciones a una, Dolstra (1985) propuso formar dos versiones de las poblaciones a mejorar, una versión de grano amarillo y otra de grano púrpura, ambas homocigotas para el color del grano. En este procedimiento se usa como probador, la población contraria de diferente color de grano y como unidad de recombinación, familias de medios hermanos.

La eficacia del método de SRR, en cuanto a mejorar medias poblacionales de caracteres deseados, así como las cruzas poblacionales, ha sido comprobada por muy diversos autores, tal es el caso de Lambert (1984), Moll y Hanson (1984) y Smith (1984) los que utilizaron poblaciones diferentes en sus trabajos. Por su parte Khehra et al (1987) al evaluar las poblaciones originales a las mejoradas por SRR, así como a sus cruzas poblacionales,

encontraron que las cruzas del C2, mostraron un incremento de 10.3 por ciento en el rendimiento, en comparación a las cruzas del Co. Por lo que indican que la SRR mejoró la aptitud combinatoria de los progenitores.

Un método alternativo en la conducción de la SRR, es sugerido por Moreno (1986) en el que las familias generadas a partir de las poblaciones sujetas a mejora genética, son evaluadas en ambientes diferentes, a este procedimiento lo denomina SRR de doble ambiente. En su estudio teórico incluyó dos modelos genéticos, calculando la ganancia genética en ambos, lo que permitió detectar una mayor ganancia en el método de SRR de doble ambiente.

El rendimiento de cuatro poblaciones sintéticas y sus cruzas generadas por SRR, fue comparado por Sarca y Ciocazanu (1987) en cuatro localidades, señalando que en la mayoría de los casos después del primer ciclo de selección y en todos los casos después de dos o tres ciclos, las poblaciones híbridas fueron superiores a sus progenitores. Los resultados sugieren que la frecuencia de alelos dominantes fue diferente entre pares de progenitores.

Correlaciones

El aplicar cualquier método de selección artificial sobre un carácter en particular, provoca cambios en la manifestación de otros caracteres, sin que esto sea un objetivo del fitogenetista. Por lo que, al evaluar material genético (familias y líneas) derivado de las poblaciones se hace necesario estimar el grado y sentido de las correlaciones entre caracteres cuantitativos, con el fin de conocer si es realmente conveniente la selección directa para determinado rasgo.

Con respecto al origen del efecto indirecto que tiene la selección de un carácter sobre otro Lerner (1961) considera que si el control genético de caracteres métricos es debido a sistemas poligénicos ubicados a lo largo de los cromosomas, es de esperarse que éstos estén intercalados con poligenes que determinan la variación en otros caracteres, lo que a su vez establece asociaciones correlativas. Por otro lado Goldenberg (1968) señala que, para poder aplicar una selección efectiva sobre la variabilidad genética disponible, el principal problema inmediato es la utilización rápida y eficiente de dicha variabilidad. Siendo la correlación entre distintos caracteres una forma para evitar una mayor inversión de tiempo y recursos.

En lo referente a las causas que origina que dos o más caracteres estén correlacionados Falconer (1980) distingue las siguientes: 1) correlación genética, la cual es debida principalmente a la pleiotropía y al ligamento factorial, aunque este último en ocasiones determine correlaciones transitorias; y 2) correlación ambiental, que se da cuando los caracteres son afectados de igual manera por las mismas fluctuaciones ambientales.

Correlaciones en Maíz

En un estudio sobre correlaciones fenotípicas y genotípicas en poblaciones prolíficas de maíz, Robinson y Cockerham (1961) encontraron que el carácter mazorcas por planta tuvo la más alta asociación genética positiva con rendimiento, seguido por las variables: altura de planta y mazorca. En tanto que, Galarza et al (1973) al evaluar líneas per se y mestizos de maíz, reportan correlaciones positivas y significativas entre rendimiento de grano y los caracteres de prolificidad, longitud de mazorca, diámetro de mazorca y peso de 500 semillas.

Al investigar las relaciones existentes entre rendimiento de grano y características agronómicas de una población sintética de maíz, Fakorede (1979) determinó que los caracteres profundidad de grano y número de granos por hilera tuvieron los más altos valores positivos de

correlación genética y fenotípica. Por su parte Bhole y Patil (1985) al evaluar ocho genotipos de maíz encontraron correlaciones genotípicas positivas y significativas entre el rendimiento de grano y los caracteres longitud de mazorca, peso seco de mazorca por planta y días a espigamiento.

Celis et al (1986) realizaron un estudio sobre parámetros genéticos en la variedad de maíz ZAC. 58. En lo referente a las correlaciones, señalan que existieron asociaciones genéticas positivas y significativas entre el rendimiento y las variables altura de planta y mazorca, en tanto que con días a floración fue negativa y significativa. Mientras que en líneas endocriadas de maíz y sus híbridos F1 con teosintle, Lidanski et al (1987) reportan correlaciones positivas entre los caracteres número de grano por planta y número de mazorcas por planta; asimismo entre el par de variables, peso de grano por planta, y número de granos por planta. Mostrándose valores de correlación superiores en los híbridos que en los progenitores.

MATERIALES Y METODOS

Material Genético.

El material genético utilizado en el presente estudio, se originó a partir del análisis de 10 poblaciones de maíz de amplia base genética del Centro Internacional de Mejoramiento de Maíz y Trigo (CIMMYT), realizado por Cortéz et al (1985) quienes determinaron utilizar el modelo Gardner y Eberhart (1966) para estimar los efectos génicos acumulativos y heterosis en cinco caracteres agronómicos de dichas poblaciones.

Del estudio anterior el Instituto Mexicano del Maíz seleccionó las siguientes: Pob.43, Pool.19, Pool.20 y Pob.23; y en base a heterosis y características como precocidad, altura de planta y tipo de grano formó dos complejos germoplásmicos (Cuadro 3.1.), de los cuales se obtuvieron las familias de los medios hermanos de cada complejo a través del procedimiento de selección recíproca recurrente desarrollado por Comstock et al (1949) constituyendo éstas el material base de la presente investigación.

Cuadro 3.1. Descripción de los Complejos Germoplásmicos

Complejo Dentado			
Población	Origen	Madurez	Tipo de Grano
Pool. 20	C.O. 80	I	D
Pob. 43 (La Posta)	PR 80A-9B	T	D
Complejo Cristalino			
Población	Origen	Madurez	Tipo de Grano
Pob. 23	C.O. 80	T	C
Pool. 19	C.O. 80	I	C

I=Intermedio C=Cristalino T=Tardío D=Dentado

El material genético utilizado son dos complejos germoplásmicos, los cuales se describen a continuación:

Complejo Dentado.

Pool 20. Tropical, Intermedio, Blanco, Dentado.

Está constituido principalmente de materiales de Filipinas, India y Sureste de Asia. Una pequeña fracción del germoplasma es también de México y algunos de países de América Central. El Pool es similar al tipo de planta y rendimiento al Pool 19 y se selecciona específicamente para resistencia a pudrición de la mazorca.

Pob. 43. Tropical, Tardío, Blanco, Dentado.

Está basado sobre germoplasma de tuxteño de México, tiene algunos materiales de América Central, área del

Caribe y Zaire. Tiene un nivel relativamente alto de tolerancia a pudrición del tallo, y tiene excelente tipo de planta y potencial de rendimiento. Es específicamente seleccionado para resistencia al gusano cogollero (*Spodoptera frugiperda*).

Complejo cristalino .

Pobl. 19. Tropical, Intermedio, Blanco, Cristalino.

Cerca del 30 por ciento del germoplasma, está constituido por materiales de las Filipinas que tiene resistencia al mildiú vellosa. También tiene materiales de Cuba, México, Argentina, Honduras, El Salvador, Colombia, Ecuador, India y Centro y Sur de Estados Unidos. En madurez es de intermedio a tardío y tiene buen tipo de planta y potencial de rendimiento.

Pobl. 23. Tropical, Tardío, Blanco, Cristalino.

Está basada sobre selecciones blanco, cristalino de cruces entre materiales de México, Colombia, área del Caribe, Guatemala, Panamá y otros países de América Central, India, Tailandia y las Filipinas. Es tardío en madurez y tiene plantas relativamente cortas y de excelente rendimiento. Se selecciona principalmente para resistencia a la pudrición de mazorca y de tallo.

Información obtenida del CIMMYT (1982).

Procedimiento Experimental

En el ciclo 86-B, en la localidad de Río Bravo, Tamps. se derivaron de cada complejo aproximadamente 300 líneas las que fueron sembradas en Tepalcingo, Mor. en el ciclo 86-B con el fin de obtener las familias de medios hermanos. Siguiendo el método propuesto por Comstock et al (1949) se tomó una muestra de plantas del complejo cristalino las cuales se autofecundaron y fueron cruzadas con plantas del complejo dentado; de igual forma plantas del complejo dentado se autofecundaron y se cruzaron con una muestra de plantas del complejo cristalino.

Las familias generadas se sembraron para su evaluación en las localidades de Celaya, Gto., Ursulo Galván, Ver., y Torreón, Coah., cuya ubicación geográfica se proporciona en el Cuadro 3.2. El diseño experimental utilizado fue el de Bloques Incompletos al Azar con dos repeticiones, estableciéndose dos experimentos por localidad. El experimento I, formado por el complejo germoplásmico cristalino, se constituyó de 12 grupos por repetición, con 21 entradas por grupo, en tanto que el experimento II fue constituido por el complejo germoplásmico dentado, se formó de 15 grupos por repetición, con 21 entradas por grupo.

El tamaño de la parcela experimental fue consistente en las localidades de evaluación, constituyéndose ésta de un surco por entrada, con una longitud de 4.40 m y una distancia entre surcos de 0.75 m, siendo la distancia entre plantas de 0.22 m. determinándose así una densidad de población de 40 000 pts/ha.

Cuadro 3.2. Coordenadas y tipo de clima que prevalece en las tres localidades de evaluación.

Coordenadas				
Localidad	Latitud Norte	Latitud Oeste	Altitud msnm	Tipo de Clima
Celaya, Gto.	20°32'	100°49'	1754	BS, hw(w) (e)g
Torreón, Coah.	25°33'	103°26'	1137	BW(h')hw(e)
Ursula Galván, Ver.	19°22'	96°23'	100	AW"1(w) (i')

Información recabada de García, E. (1973).

Variabes consideradas en el siguiente estudio:

- 1.-Días a floración masculina. Número de días transcurridos desde la fecha de siembra al 50 por ciento de las plantas con espiga soltando polen.
- 2.- Altura de Planta. Se tomó la medida de 10 plantas al azar midiendo de la base de la planta a la punta de la espiga, expresándolo en cm.

3.-Altura de mazorca. Se tomó la medida de 10 plantas al azar midiendo de la base de la planta al nudo donde nace la mazorca principal, y se expresó en cm.

4.-Ácame de raíz. Se consideraron como plantas acamadas aquellas que presentaban una inclinación mayor de 30° con respecto a la vertical, expresándolo en por ciento.

5.-Ácame de tallo. Se tomaron el número de plantas con el tallo quebrado abajo de la mazorca y se expresó en por ciento.

6.-Mazorcas podridas. Expresado en porcentaje el número de mazorcas podridas en relación al número de mazorcas cosechadas.

7.-Por ciento de Fusarium. Se calculó en base al número de plantas cosechadas y plantas enfermas.

8.- Mala cobertura. Se consideró una planta con mala cobertura cuando las brácteas no cubrían totalmente la mazorca, dejando la punta descubierta, expresándolo en por ciento.

9.-Rendimiento de mazorca. Se consideró el rendimiento ajustado obtenido del número de plantas cosechadas por parcela expresándolo en ton/ha.

Análisis Estadístico

Para analizar estadísticamente los resultados obtenidos de los datos de campo se transformaron aquellas variables medidas en por ciento utilizando la siguiente transformación:

$$X' = \text{Arc Sen} \sqrt{\frac{X + 0.005}{100}}$$

Donde:

X' = valor de la variable transformada

X = por ciento de la variable medida

Análisis de Varianza Combinado

El análisis de varianza combinado que conjunta a las localidades de prueba, se realizó por medio de un diseño de bloques incompletos al azar, bajo el siguiente modelo estadístico:

$$y_{ijkl} = \mu + L_l + G_k + (GL)_{kl} + R_{jk} + F_{ik} + (FL)_{ikl} + E_{ijkl}$$

Donde:

$i = 1, 2, \dots, f$ (familias)

$j = 1, 2, \dots, r$ (repeticiones)

$k = 1, 2, \dots, g$ (grupos)

$l = 1, 2, \dots, l$ (localidades)

Y_{ijkl} = Observación de la i -ésima cruza de prueba en la j -ésima repetición del k -ésimo grupo en la l -ésima localidad.

M = Media general.

L_l = Efecto de la l -ésima localidad.

G_k = Efecto de K -ésimo grupo.

$(GL)_{kl}$ = Efecto de la interacción del K -ésimo grupo en la l -ésima localidad.

R_{jkl} = Efecto de la j -ésima repetición anidada en el k -ésimo grupo de la l -ésima localidad.

F_{ik} = Efecto de la i -ésima familia anidada en el k -ésimo grupo.

$(FL)_{ikl}$ = Efecto de la interacción de la i -ésima familia con la l -ésima localidad.

E_{ijkl} = Efecto de error experimental.

En el Cuadro 3.3., se presentan los componentes del análisis de varianza combinado, considerando las familias como efectos aleatorios y localidades como fijos.

Cuadro 3.3. Componentes del análisis de varianza combinado

Fuentes de Variación	G.L.	C.M.	E.C.M.
Localidades	$(l-1)$	$M7$	
Grupos	$(g-1)$	$M6$	
$G \times L$	$(g-1)(l-1)$	$M5$	
R/ByL	$(r-1)gl$	$M4$	
F/G	$(f-1)g$	$M3$	$\sigma_e^2 + r \sigma_{f1/g}^2 + r1 \sigma_{f/g}^2$
FxL/G	$(f-1)(l-1)g$	$M2$	$\sigma_e^2 + r \sigma_{f1/g}^2$
Error	$(r-1)(f-1)lg$	$M1$	σ_e^2

Las pruebas de F para las fuentes de variación del Cuadro 3.3., son las siguientes: el error M1 se utilizó para probar M2 y M4; M2 se utilizó para probar M3; M5 para probar M7; la prueba para M5 y M6 y los grados de libertad asociados a dichas pruebas de F se obtuvieron utilizando la aproximación sugerida por Satterthwaite (1946).

Análisis de Covarianza Combinado

Se efectuó un análisis de covarianza combinado con el objetivo de estimar la covarianza genotípica entre caracteres. Los componentes de dicho análisis se proporcionan en el Cuadro 3.4.

Cuadro 3.4 Componentes del análisis de covarianza combinado

Fuentes de Variación	Grados de Libertad	Productos Cruzados Medios	E.P.C.M.
Localidades	(l-1)		
Grupos	(g-1)		
G x L	(g-1)(l-1)		
R/GyL	(r-1)gl		
F/G	(f-1)g	M3xM3y	$\sigma_{exy} + r\sigma_{fl/gxy} + r1\sigma_{f/gxy}$
FxL/G	(f-1)(l-1)g	M2xM2y	$\sigma_{exy} + r\sigma_{fl/gxy}$
Error	(r-1)(f-1)lg	M1xM1y	σ_{exy}

Parámetros Genéticos

Los estimadores de los parámetros genéticos en forma combinada se obtuvieron mediante las siguientes expresiones:

$$\hat{\sigma}_g^2 = \frac{M3-M2}{r1} \quad \hat{\sigma}_{gl}^2 = \frac{M2-M1}{r} \quad \hat{\sigma}_e^2 = M1$$

$$\hat{\sigma}_f^2 = \frac{M3}{r1} \quad \hat{h}^2 = \frac{\hat{\sigma}_A^2}{\hat{\sigma}_F^2}$$

donde:

- $\hat{\sigma}_g^2$ = Varianza genética entre familias de medios hermanos.
- $\hat{\sigma}_f^2$ = Varianza fenotípica entre familias de medios hermanos.
- $\hat{\sigma}_{gl}^2$ = Varianza de la interacción familia por localidad.
- $\hat{\sigma}_e^2$ = Varianza del error.
- \hat{h}^2 = Coeficiente de determinación.

Los errores estándar de las estimaciones de los parámetros genéticos se obtuvieron por medio de las fórmulas propuestas por Hallauer y Miranda (1981).

$$EE(\hat{\sigma}_g^2) = \sqrt{\frac{M2}{(f-1)(1-f)g+2}} + \sqrt{\frac{M3}{(f-1)g+2}}$$

$$EE(F) = \left[\frac{2}{(r-1)} \frac{M3}{(f-1)g+2} \right]^{1/2}$$

$$EE(GL) = \left[\frac{2}{r} \frac{M2}{(f-1)(l-1)g+2} + \frac{M1}{(r-1)(f-1)lg+2} \right]^{1/2}$$

$$EE(e) = \left[\frac{2M1}{(r-1)(f-1)lg+2} \right]^{1/2}$$

$$EE(h) = \frac{EE(s)}{F}$$

En cada análisis y para cada carácter se estimó el coeficiente de variación genética mediante la fórmula:

$$C.V.G. = \sqrt{\frac{\hat{\sigma}^2 G}{\bar{x}}} \times 100$$

Donde:

C.V.G. = Coeficiente de variación genética.

G = Varianza genética entre familias de medios hermanos.

\bar{X} = Media correspondiente a cada variable.

La covarianza genética (Gxy) y fenotípica (Fxy) se estimaron a partir de las esperanzas de los productos cruzados medios del análisis de covarianza, en la forma siguiente:

$$G_{xy} = \frac{M3 \times M3y - M2 \times M2y}{r1} \qquad F_{xy} = \frac{M3 \times M3y}{r1}$$

Correlaciones

Se estimaron los coeficientes de correlación genotípica y fenotípica entre rendimiento y los demás caracteres en forma combinada, utilizando los componentes de varianza y covarianza por medio de las siguientes ecuaciones:

$$rG_{xy} = \frac{G_{xy}}{\sigma_{gx} \times \sigma_{gy}} \qquad rF_{xy} = \frac{F_{xy}}{\sigma_{fx} \times \sigma_{fy}}$$

Donde Gxy es la covarianza genética entre los caracteres X e Y, en tanto que σ_{gx} y σ_{gy} son las desviaciones estándar de cada carácter considerado.

La ganancia genética para rendimiento, por ciclo esperada, será expresada por la siguiente ecuación:

$$\Delta G = \frac{K \frac{1}{4} \sigma^2 A}{\sigma F} + \frac{K \frac{1}{4} \sigma^2 A}{\sigma F}$$

donde:

K = Coeficiente de selección estandarizada.

$\sigma^2 A$ = Varianza aditiva.

σF = Desviación fenotípica.

RESULTADOS

Se presentan los resultados que fueron obtenidos de evaluaciones de dos experimentos de maíz realizados en localidades de Celaya, Gto.; Ursulo Galván, Ver. y Eñon, Coah. en donde se evaluaron las familias de medios años formados de los complejos germoplásmicos talino y dentado.

Análisis de Varianza

Los cuadrados medios y su significancia para los caracteres agronómicos medidos en el Complejo Cristalino (Experimento I), son presentados en el Cuadro 4.1., donde se aprecia que las fuentes de variación: localidades, familias dentro de grupo por localidad, familias dentro de grupos y repeticiones dentro de grupos y localidades, mostraron diferencias altamente significativas en todas las variables consideradas a excepción del carácter acame de tallo, el cual para la fuente de variación repeticiones dentro de grupos y localidades no mostró una diferencia significativa al .05 de probabilidad.

Los grupos no mostraron diferencias significativas en ninguna de las variables medidas, mientras que en los experimentos por localidad mostraron diferencias significativas

Cuadro 4.1. Cuadrados medios y coeficiente de variación para los caracteres estudiados en el Experimento I.

CUÁDRADOS MEDIOS						
Fuentes de Variación	G.L.	Rendimiento	Días a flor masculina	Altura de Planta (cm)	Altura de Mazorca (cm)	Árcame de raíz (%)
Localidad	2	4,921.442 **	50,085.500 **	1,756,140.000 **	293,289.000 **	9,054.883 **
Grupos	11	11.470 ns	17.918 ns	424.727 ns	251.636 ns	132.472 ns
Gpo x Loc.	22	13.014 ns	89.182 **	5,380.364 *	3,524.364 **	302.010 **
Rep./ G y L	36	11.441 **	15.500 **	2,307.556 **	1,091.889 **	58.121 **
Fam./Gpo.	240	5.743 **	9.254 **	676.467 **	590.900 **	49.314 **
FxL/Gpo.	480	3.471 **	4.818 **	216.950 **	184.304 **	32.506 **
Error	720	2.508	1.901	216.733	174.933	25.108
Total	1511	10.270	71.024	2,681.768	664.641	45.557
C.V. (%)		18.489	1.375	6.087	10.383	63.986

*,** Significativo al 0.05 y 0.01 de probabilidad, respectivamente

Cuadro 4.1..... Continuación

Fuentes de Variación	G.L.	CUARARÓS MEDIOS					
		Acame de tallo (g)	Mazorcas podridas (g)	Fusarium (g)	Mala cobertura (g)		
Localidad	2	21,783.580 **	4,010.531 **	28,849.220 **	17,173.050 **		
Grupos	11	239.753 ns	89.173 ns	162.756 ns	354.256 ns		
Gpo x Loc.	22	390.932 **	304.435 **	908.693 **	626.989 **		
Rep./ G y L	36	110.566 **	101.327 **	296.870 **	122.800 **		
Fam./Gpo. ✓	240	117.374 **	56.140 **	158.440 **	303.062 **		
FxL/Gpo. ✓	480	81.937 **	54.811 **	120.220 **	108.954 **		
Error	720	71.633	42.560	89.538	71.637		
Total	1511	113.442	56.089	155.773	147.401		
C.V. (g)		54.165	56.376	39.699	44.678		

*,** Significativo al 0.05 y 0.01 de probabilidad, respectivamente

al .01 de probabilidad para todas las variables estudiadas, excepto para rendimiento el cual no mostró diferencias significativas.

Los valores encontrados en los coeficientes de variación (Cuadro 4.1.) fluctuaron entre 1.975 y 63.986 por ciento, dichos valores pertenecen a los caracteres días a flor masculina y acame de raíz respectivamente, en tanto que el caracter rendimiento resultó con un valor de 18.489 por ciento.

En cuanto a los cuadrados medios y su significancia de los caracteres considerados en el Complejo Dentado (Experimento II), son proporcionados en el Cuadro 4.2. en el que se observan diferencias altamente significativas para todas las variables estudiadas, en las fuentes de variación de localidades, familias por localidad dentro de grupo, familias dentro de grupos y repeticiones dentro de grupos y localidades, sólo para ésta última en la variable mala cobertura mostró una diferencia significativa al .05 de probabilidad.

En la fuente grupos se encontró diferencias significativas para rendimiento, mientras que para las demás variables no se observó diferencias significativas; en grupos por localidad se obtuvieron diferencias altamente significativas en todas las variables, excepto para rendimiento la cual no fue significativa.

Cuadro 4.2. Cuadrados medios y coeficiente de variación para los caracteres estudiados en el Experimento II.

Fuentes de Variación	G.L.	Rendimiento	Días a flor masculina	C U A D R A D O S M E D I O S			
				Altura de Planta (CM)	Altura de Mazorca (CM)	Acame de raíz (2)	
Localidad	2	5,298.203 **	135,307.000 **	2,134,128.000 **	271,683.000 **	17,452.260 **	
Grupos	14	28.503 ns	14,179 ns	3,254.857 ns	1,128.143 ns	206.403 ns	
Gpo x Loc.	28	10.754 ns	56.786 **	4,130.286 *	1,967.714 **	396.257 **	
Rep./ G y L	45	11.963 **	6.567 **	924.267 **	751.244 **	151.883 **	
Fam./Gpo.	300	5.297 **	5.116 **	707.840 **	573.720 **	68.759 **	
FxL/Gpo.	600	2.635 **	2.502 **	259.467 **	158.943 **	53.517 **	
Error	900	1.395	1.395	258.516	142.049	45.871	
Total	1889	8.877	146.002	2,638.975	530.474	74.868	
C.V. (2)		15.831	1.830	6.495	9.207	58.858	

*,** Significativo al 0.05 y 0.01 de probabilidad, respectivamente.

Cuadro 4.2..... Continuación

CUARCUAROS MEDIOS						
Fuentes de Variación	G.L.	Acame de tallo (2)	Nazorcas podridas (2)	Fusarium (2)	Mala cobertura (2)	
Localidad	2	32,048.450 **	19,647.990 **	29,007.500 **	1,371.594 **	
Grupos	14	253.507 ns	195.522 ns	155.491 ns	598.746 ns	
Gpo x Loc.	28	643.031 **	601.121 **	1,196.250 **	542.804 **	
Rep./ G y L	45	174.483 **	91.073 **	464.400 **	101.136 **	
Fam./Gpo.	300	124.966 **	72.390 **	173.942 **	272.260 **	
Fxl./Gpo.	600	71.312 **	61.126 **	126.203 **	87.027 **	
Error	900	66.788	46.376	90.660	65.552	
Total	1689	116.668	79.656	158.265	112.423	
C.V. (2)		51.806	50.359	36.954	36.983	

*,** Significativo al 0.05 y 0.01 de probabilidad, respectivamente.

En lo que respecta a los coeficientes de variación para los caracteres del Complejo Dentado (Cuadro 4.2.), sus valores estuvieron dentro del rango de 1.830 y 58.850 por ciento correspondiendo dichos valores a los caracteres; días a flor masculino y acame de raíz respectivamente, en tanto que rendimiento tuvo un valor de 15.830 por ciento.

Parámetros Genéticos

El Cuadro 4.3. muestra estimaciones de las varianzas genéticas y fenotípicas entre las familias de medios hermanos evaluadas, así como sus respectivos errores estándar, de los caracteres incluidos en esta investigación para el Complejo Cristalino (Experimento I). Se encontró que solamente el carácter mazorcas podridas tuvo una varianza genética (0.222) muy inferior a su error estándar (1.034), el cual no se observó para ninguna de las demás variables, ni aún en el caso de las varianzas fenotípicas.

De la misma forma para el Complejo Dentado (Experimento II), las estimaciones de las varianzas genéticas, fenotípicas y errores estándar son presentadas en el Cuadro 4.4. En este caso, el carácter de mazorcas podridas tuvo una estimación de varianza genética de 1.877 con un error estándar de 1.144, que aunque es menor se observa una tendencia similar al anterior complejo, donde el error estándar es mayor que la varianza genética. En lo

Cuadro 4.3. Estimaciones de las varianzas genéticas ($\hat{\sigma}_g^2$) y fenotípicas ($\hat{\sigma}_f^2$), así como sus errores estándar, para los caracteres medidos en el Complejo Cristalino.

(Experimento I).

Caracter	$\hat{\sigma}_g^2 \pm E.E. (\hat{\sigma}_g^2)$	$\hat{\sigma}_f^2 \pm E.E. (\hat{\sigma}_f^2)$
Rendimiento	0.379 \pm 0.095	0.957 \pm 0.087
Días a flor masculina	0.739 \pm 0.149	1.542 \pm 0.140
Altura de planta (cms)	76.586 \pm 10.511	112.745 \pm 10.250
Altura de mazorca (cms)	67.766 \pm 9.169	98.483 \pm 8.953
Acame de raíz (%)	2.801 \pm 0.825	8.219 \pm 0.747
Acame de tallo (%)	5.906 \pm 1.984	19.562 \pm 1.778
Mazorcas podridas (%)	0.222 \pm 1.034	9.357 \pm 0.851
Fusarium (%)	6.370 \pm 2.726	26.407 \pm 2.401
Mala cobertura (%)	32.351 \pm 4.738	50.510 \pm 4.592

Cuadro 4.4. Estimaciones de las varianzas genéticas ($\hat{\sigma}^2_g$) y fenotípicas ($\hat{\sigma}^2_f$), así como sus errores estándar, para los caracteres medidos en el Complejo Dentado. (Experimento II).

Caracter	$\hat{\sigma}^2_g \pm \text{E.E. } (\hat{\sigma}^2_g)$	$\hat{\sigma}^2_f \pm \text{E.E. } (\hat{\sigma}^2_f)$
Rendimiento	0.443 \pm 0.076	0.882 \pm 0.071
Días a flor masculina	0.435 \pm 0.073	0.852 \pm 0.069
Altura de planta (cms)	74.728 \pm 9.918	117.973 \pm 9.600
Altura de mazorca (cms)	69.129 \pm 7.929	95.620 \pm 7.781
Acame de raíz (%)	2.540 \pm 1.064	11.459 \pm 0.932
Acame de tallo (%)	8.942 \pm 1.828	20.827 \pm 1.694
Mazorcas podridas (%)	1.877 \pm 1.144	12.065 \pm 0.981
Fusarium (%)	7.956 \pm 2.652	28.990 \pm 2.359
Mala cobertura (%)	30.872 \pm 3.786	45.376 \pm 3.692

que respecta a los demás caracteres, tanto para las varianzas genéticas como para las fenotípicas, los errores estándar se mantuvieron relativamente bajos.

Los resultados obtenidos en las estimaciones de las heredabilidades en sentido estrecho, en base a la media de una entrada, y sus respectivos errores estándar, así como los coeficientes de variación genética y las medias poblacionales, para todos los caracteres incluidos en el Complejo Cristalino (Experimento 1), son mostrados en el Cuadro 4.5.

Los coeficientes de variación genética más altos fueron los de mala cobertura (30.024 por ciento), acame de raíz (21.372 por ciento) y de tallo (15.553 por ciento); mientras que los relativamente más bajos fueron días a flor masculina (1.231 por ciento) y altura de planta (3.618 por ciento).

En lo que respecta a los valores de sus heredabilidades, se encontraron éstos dentro del rango de 0.024 ± 0.101 y 0.698 ± 0.093 , correspondiendo dichos valores a las variables mazorcas podridas y altura de mazorca respectivamente, para el caso de rendimiento éste mostró un valor de 0.397 ± 0.099 . La variable mazorcas podridas tuvo un valor de heredabilidad (0.024) inferior a su error estándar (0.111). En el mismo cuadro, se muestran

Cuadro 4.5. Coeficientes de variación genética (C.V.G), heredabilidad ($h^2 \pm E.E$) en sentido amplio y medias para los nueve caracteres considerados en el Complejo Cristalino. (Experimento I).

Caracter	C. V. G. (%)	$\hat{h}^2 \pm E.E$ (\hat{h}^2)	X
Rendimiento	7.188	0.396 \pm 0.099	8.565
Días a flor masculina	1.231	0.479 \pm 0.097	69.811
Altura de planta (cms)	3.618	0.679 \pm 0.093	241.857
Altura de mazorca (cms)	6.462	0.688 \pm 0.093	127.383
Acame de raíz (%)	21.372	0.341 \pm 0.100	7.831
Acame de tallo (%)	15.553	0.302 \pm 0.101	15.625
Mazorcas podridas (%)	4.216	0.024 \pm 0.111	11.175
Fusarium (%)	10.589	0.241 \pm 0.103	23.835
Mala cobertura (%)	30.024	0.641 \pm 0.094	18.944

los valores de las medias para cada una de las variables estudiadas.

En lo que se refiere a los valores de los coeficientes de variación genética obtenidos en el Complejo Dentado (Experimento II), éstos se proporcionan en el Cuadro 4.6.. Los caracteres de mala cobertura y acame de tallo tuvieron la variación genética más grande, ya que así lo indican sus valores de 25.380 y 18.956 por ciento respectivamente, por otro lado, los de inferior variación genética lo fueron días a flor masculina (1.023 por ciento) y altura de planta (3.492 por ciento).

Los valores de heredabilidad y errores estándar para los caracteres de este complejo (Cuadro 4.6.) fluctuaron entre 1.155 ± 0.094 y 0.723 ± 0.082 , los cuales pertenecen a los caracteres mazorcas podridas y altura de mazorca respectivamente, en tanto que rendimiento mostró un valor de 0.502 ± 0.086 . Los valores obtenidos en los errores estándar de las heredabilidades estimadas, fueron relativamente bajas para la mayoría de las variables estudiadas, con excepción de mazorcas podridas y acame de raíz, cuyos valores oscilan alrededor de la mitad del valor de la estimación. Las medias para los caracteres de este complejo se muestran en el Cuadro 4.6.

BANCO DE TESIS

Cuadro 4.6. Coeficientes de variación genética (C.V.G), heredabilidad ($h^2 \pm E.E$) en sentido amplio y medias para los nueve caracteres considerados en el Complejo Dentado (Experimento II).

Caracter	C. V. G. (%)	$h^2 \pm E. E (h^2)$	\bar{X}
Rendimiento	7.534	0.502 \pm 0.086	8.841
Días a flor masculina	1.023	0.510 \pm 0.086	64.549
Altura de planta (cms)	3.492	0.633 \pm 0.084	247.541
Altura de mazorca (cms)	6.423	0.723 \pm 0.082	129.455
Acame de raíz (%)	13.851	0.221 \pm 0.092	11.507
Acame de tallo (%)	18.956	0.429 \pm 0.087	15.775
Mazorcas podridas (%)	10.132	0.155 \pm 0.094	13.523
Fusarium (%)	10.947	0.274 \pm 0.091	25.755
Mala cobertura (%)	25.380	0.680 \pm 0.083	21.892

Correlaciones

Las asociaciones genéticas y fenotípicas para el Complejo Cristalino (Experimento I) son reportados en el Cuadro 4.7. Se encontraron valores positivos de correlación genética entre el rendimiento y los caracteres; días a flor masculina (0.830), altura de planta (0.809), altura de mazorca (0.660), acame de raíz (0.230) y mazorcas podridas (0.870) y asociaciones genéticas negativas entre el rendimiento y los caracteres; acame de tallo (-0.048) y fusarium (-0.071), en tanto que el carácter mala cobertura observó una nula asociación con el rendimiento.

Respecto a las correlaciones fenotípicas, se encontraron valores positivos y altamente significativos entre el rendimiento y las variables; días a flor masculina, altura de planta (0.476) y de mazorca (0.400), mientras que fusarium estuvo correlacionado con el rendimiento en forma negativa y altamente significativa.

En lo referente al Complejo Dentado (Experimento II), citado en el Cuadro 4.8., se encontraron correlaciones genéticas positivas de rendimiento con días a flor masculina (0.692), altura de planta (0.703) y de mazorca (0.731), acame de raíz (0.260) y mala cobertura (0.129), y asociaciones genéticas negativas entre rendimiento y acame de tallo (-0.181), mazorcas podridas (-0.575) y fusarium (-0.414). En las correlaciones fenotípicas se observan

valores positivos y altamente significativos del rendimiento con días a flor masculina (0.334), altura de planta (0.454) y de mazorca (0.500), y una correlación fenotípica negativa y altamente significativa con acame de tallo (-0.193), mazorcas podridas (-0.244) y fusarium (-0.407).

La estimación de la ganancia genética por ciclo esperada mediante selección recíproca recurrente para el carácter rendimiento, para este primer ciclo de selección es de 1.203 ton/ha.

Cuadro 4.7. Coeficientes de correlación genética (γ_{Gxy}) y fenotípica (γ_{Fxy}) entre los caracteres medidos y rendimiento en base al análisis de covarianza combinado, para el Experimento I.

Caracter	Rendimiento	
	γ_{Gxy}	γ_{Fxy}
Días a flor masculina	0.830	0.246 * *
Altura de planta (cms)	0.089	0.476 * *
Altura de mazorca (cms)	0.660	0.400 * *
Acame de raíz (%)	0.230	0.067
Acame de tallo (%)	-0.048	-0.088
Mazorcas podridas (%)	0.870	-0.041
Fusarium (%)	-0.071	-0.279 * *
Mala cobertura (%)	0.000	-0.018

* * Significativo al 0.1 de probabilidad.

Tabla 4.8. Coeficientes de correlación genética (γ_{Gxy}) y fenotípica (γ_{Fxy}) entre los caracteres medidos y rendimiento en base al análisis de covarianza combinado, para el Experimento II.

Caracter	Rendimiento	
	γ_{Gxy}	γ_{Fxy}
Distancia a flor esculina	0.692	0.334 * *
Distancia de antera (cms)	0.703	0.454 * *
Distancia de antera (cms)	0.731	0.500 * *
Porcentaje de antera (%)	0.260	0.023
Porcentaje de antera (%)	-0.181	-0.193 * *
Porcentaje de antera (%)	-0.575	-0.244 * *
Porcentaje de antera (%)	-0.414	-0.407 * *
Porcentaje de antera (%)	0.129	0.097

* * Significativo al .01 de probabilidad.

D I S C U S I O N

Análisis de Varianza

Los resultados obtenidos en la fuente de variación familias dentro de grupos, tanto en el experimento uno como en el dos (Cuadros 4.1 y 4.2), nos indican la existencia de variabilidad genética en los dos complejos germoplásmicos evaluados (cristalino y dentado), en cuanto a los caracteres estudiados en esta investigación, lo cual se esperaba que se presentara, ya que este estudio incluyó solamente la evaluación de las progenies para formar el ciclo de selección uno, por lo que de acuerdo a la teoría genética, la variabilidad presente en el ciclo cero va disminuyendo a medida que avanzan los ciclos de selección, pero no en una forma tan pronunciada aplicando la presión de selección adecuada para cada ciclo, es decir, que el cambio en las frecuencias génicas, responsable del avance genético, no se efectúa de manera significativa de un ciclo de selección al siguiente, sino a través de varios ciclos de selección, lo que va de acuerdo a lo reportado por Hallauer (1970) después de cuatro ciclos de selección recíproca recurrente, en el sentido de que el incremento en el rendimiento estuvo acompañado de una disminución en la variabilidad genética.

Por otro lado, la variabilidad observada en ambos complejos germoplásmicos, se debe a que éstos fueron formados con poblaciones de diferente origen, esta variabilidad puede ser utilizada para aumentar los rendimientos en ambos complejos, así como en la formación de híbridos con líneas sobresalientes de cada ciclo y de cada población ya que estudios hechos por Moll et al (1977), Hallauer (1978), Hallauer y Miranda (1981) y Khehra (1987), así lo sugieren. De acuerdo a lo anterior es conveniente conducir por más ciclos de selección a los complejos germoplásmicos, debido a que se espera obtener una relación lineal entre ganancia genética de rendimiento y el número de ciclos de selección, como en la encontrada por Eberhart et al (1973) al evaluar cinco ciclos de selección recíproca en maíz.

En la continuación del procedimiento de selección recíproca, se debe de considerar: el aumento paulatino en la presión de selección en ciclos posteriores, principalmente en los tardíos, así como, mantener el número de familias derivadas de cada complejo, con la finalidad de evitar la deriva genética que lleve a una reducción drástica en la variabilidad presente en el material genético evaluado.

En cuanto a la alta significancia encontrada en la interacción familia por localidad, para todos los

caracteres estudiados y en ambos complejos germoplásmicos (Cuadros 4.1. y 4.2.), indica que el material evaluado tuvo una respuesta diferencial importante a los ambientes proporcionados por cada localidad de prueba, los cuales difirieron altamente entre ellos, ya que así lo demuestra la presencia de diferencias significativas altas en la fuente de variación de localidades en ambos complejos.

Asimismo, la presencia de significancias para todos los caracteres en la fuente de variación familias dentro de grupos, en los dos complejos, sugiere la existencia de familias de buen comportamiento en caracteres de interés, que permitan sean seleccionadas las líneas adecuadas para su recombinación y obtener así el material básico del siguiente ciclo de selección con una mayor adaptabilidad a diferentes ambientes, ya que cualquier programa de mejoramiento busca, además de obtener material sobresaliente, que éste posea la mayor adaptabilidad posible, para lo cual se puede utilizar el método de selección recíproca recurrente de doble ambiente sugerido por Moreno (1986).

Lo referente a los coeficientes de variación obtenidos en las diferentes características medidas en los complejos cristalino y dentado (Cuadros 4.1. y 4.2. respectivamente), sus valores relativamente bajos en los caracteres de rendimiento, días a flor masculina, altura de planta y

altura de mazorca, demuestran que tanto el diseño experimental como el tamaño de muestras utilizado, fueron los adecuados para la evaluación de este tipo de materia genética, así como, para estas variables, lo que hace que las estimaciones hechas para las características mencionadas sean confiables, mientras que, para el caso de los caracteres acame de raíz, acame de tallo, mazorca podridas, fusarium y mala cobertura, los cuales fueron expresados en porcentajes, los valores de sus coeficientes de variación fueron altos en ambos complejos, a pesar de que se analizaron transformando los valores originales por arco seno, esto último es atribuido a que los datos expresados en porcentaje siguen en una distribución binomial y no obstante que fueron transformados a arcoseno no siempre se consigue adaptar los datos a la distribución normal.

Al respecto, Steel y Torrie (1986) mencionan que los datos al transformarse se distribuyen en una forma aproximadamente normal, aunque este resultado no siempre se consigue.

Parámetros Genéticos

Las estimaciones de varianza genética y fenotípica, tanto en el complejo cristalino como para el dentado (Cuadros 4.3. y 4.4. respectivamente), fueron muy similares entre sí, así como sus respectivos errores estándar, los

que fueron en forma general lo bastante bajos dando confianza en los valores de las estimaciones hechas. En el complejo cristalino, en el que se encontró para el carácter de mazorcas podridas un valor de varianza genética de 0.222 muy inferior a su error estándar (1.034) lo cual sugiere que la estimación de la varianza genética no sea confiable, lo anterior se debió probablemente a un error en el muestreo, en tanto que en el complejo dentado el mismo carácter mazorcas podridas tuvo valores de varianza genética y error estándar similares lo que es atribuido además del error de muestreo, a que el tamaño de muestra no fue el adecuado, razón por la cual se obtuvo una estimación sesgada, ya que en los dos complejos (Experimento I y II) se observa tendencia similar. En referencia a los valores obtenidos para ambos complejos, en los coeficientes de variación genética, los caracteres para los cuales se espera un mayor avance genético, en base a la cantidad de variación que presentan son: mala cobertura, acame de raíz y tallo, esta variación superior en relación a la presentada por los otros caracteres, que pueda ser explotado en diferentes zonas geográficas. En cuanto al coeficiente de variación genética, por si mismo resulta ser un parámetro de gran utilidad en programas de selección recurrente, debido a que proporciona información sobre la cantidad de variación con que cuenta un fitomejorador, así

como monitorea la disminución de la variación genética a través de los ciclos de selección.

Las estimaciones hechas de las heredabilidades en sentido amplio en los caracteres estudiados para ambos complejos, son considerados como aceptables tomando en cuenta sus bajos valores relativos en los errores estándar. Y de acuerdo a los altos valores de heredabilidad obtenidos en los dos complejos, para los caracteres altura de la planta, de mazorca y mala cobertura (Cuadros 4.5. y 4.6.), puede efectuarse una eficiente selección de líneas con alturas intermedias y buena cobertura, para su recombinación y obtención de material comercial con valores adecuados en estos caracteres, a través del proceso de selección. Por otro lado, los caracteres rendimiento y días a flor masculina, aunque con valores de heredabilidad un poco más bajos que los anteriormente señalados, es factible obtener una ganancia genética considerable con un mayor número de ciclos de selección.

En cuanto a los valores de heredabilidad del rendimiento en los complejos cristalino y dentado (0.396 ± 0.099 y 0.500 ± 0.080 respectivamente) estos son un tanto elevados considerando que este carácter está controlado por un sistema poligénico que es muy influenciado por el medio ambiente. En el caso de la variable mazorcas podridas la cual tuvo una heredabilidad

— —

(0.024) inferior a su error estándar (0.111) en el complejo cristalino (Cuadro 4.5.), su estimación puede ser cuestionada debido a su error estándar, dicho resultado se considera que fue provocado por un error de muestreo y al tamaño inadecuado para la medición de este carácter, lo que ya había sido discutido anteriormente.

Correlaciones

En forma general los valores de la correlación genética detectados tanto en el complejo cristalino como en el dentado (Cuadros 4.7. y 4.8. respectivamente) superaron a los de la correlación fenotípica, esto es atribuido a la presencia de interacción familia por localidad en todos los caracteres, lo que va de acuerdo a lo mencionado por Goldenberg (1968), que tanto el grado como el sentido de las correlaciones entre caracteres es influido por los efectos ambientales proporcionados por las localidades de prueba, refiriéndose a lo mismo Comstock y Moll (1963) señalan que el efecto provocado por la interacción genotipo-ambiente es la reducción en la correlación entre genotipo y fenotipo.

Los valores positivos de correlación genotípica y fenotípica encontradas entre el rendimiento y días a flor masculina, en ambos complejos, va de acuerdo a lo reportado por Bhole y Patil (1985), no así a lo que reportan Celis et al (1986), la cual fué en sentido

negativo, lo anterior puede ser explicado en base a que las poblaciones utilizadas son diferentes, lo cual quiere decir que sus frecuencias gènicas también lo son, provocando esto diferentes respuestas en el sentido de la correlación. Por otro lado, la asociación genética y positiva entre los caracteres rendimiento y altura de planta y de mazorca concuerdan con los estudios de Robinson y Cockerham (1961) y Celis et al (1986).

En cuanto a la correlación negativa para ambos complejos, entre rendimiento y acame de tallo, mazorcas podridas y fusarium, es favorable para esta investigación, ya que al seleccionar para incrementar el rendimiento éstas tenderán a reducirse.

Los altos valores de correlación genética o fenotípica encontrados entre el rendimiento y días a flor masculina, altura de planta, altura de mazorca y por ciento de fusarium, podrán ser aprovechados mediante su inclusión en la construcción de un índice de selección que haga máxima la ganancia genética por ciclo, aunque por otro lado sería conveniente realizar un análisis de los coeficientes de correlación, por medio de un análisis de senderos con el objetivo de considerar en el índice de selección solamente las variables que tengan una contribución considerable en la manifestación del rendimiento.

En lo que respecta al valor de correlación genética detectado entre rendimiento y acame de raíz, en los dos complejos, en base al sentido de la asociación no va de acuerdo a lo esperado, ya que entre menos acame de raíz muestre un genotipo, al menos cabe esperar que el rendimiento no disminuya, el valor positivo resultante en este par de caracteres se considera que se debió a un error en el muestreo, un hecho que apoya lo anterior, es el valor de la correlación fenotípica aunque positivo, este fue muy bajo y por consiguiente con nula significancia; lo que sugiere que tal vez no estén correlacionados este par de caracteres, en el material genético que se evaluó.

C O N C L U S I O N E S

De acuerdo a los objetivos planteados y los resultados obtenidos se llegó a las siguientes conclusiones:

Existe gran variabilidad genética en ambos complejos germoplásmicos. Lo anterior debido a que fueron formados con poblaciones de diferente origen.

Dicha variabilidad puede ser utilizada para aumentar por selección el rendimiento en ambos complejos, así como en la formación de híbridos con líneas sobresalientes de cada ciclo y de cada población.

Las familias evaluadas respondieron en forma diferente los ambientes proporcionados por cada localidad lo que indica que es necesario hacer énfasis en seleccionar para adaptabilidad a diferentes ambientes.

Los caracteres para los cuales se espera un mayor avance genético, en base a la cantidad de variación que presentan son: mala cobertura (30.024 por ciento), acame de raíz (21.372 por ciento) y de tallo (15.553 por ciento).

De acuerdo a las heredabilidades obtenidas en ambos complejos, es factible obtener una ganancia genética considerable para el caracter rendimiento (1.203 ton/ha) con un mayor número de ciclos de selección.

RESUMEN

Se derivaron familias de medios hermanos en base a procedimiento de selección recíproca recurrente (Comstock et al 1949) a partir de dos complejos germoplásmicos de maíz, dentado y cristalino para su evaluación.

El propósito del siguiente estudio fue el de mejorar simultáneamente dos poblaciones de maíz, formando el primer ciclo de selección recíproca recurrente.

La derivación de líneas, aproximadamente 300, se llevó a cabo en Río Bravo, Tamps. en el ciclo 86-A posteriormente fueron sembradas en Tepalcingo, Mor. con el fin de obtener familias de medios hermanos en base a método de selección recíproca recurrente.

Las familias generadas se sembraron para su evaluación en Celaya, Gto., Ursulo Galván, Ver. y Torreón Coah. El diseño experimental utilizado fue el de Bloques Incompleto al Azar con dos repeticiones, estableciéndose dos experimentos por localidad. El experimento I, formado por el complejo germoplásmico cristalino y el experimento II constituido por el complejo germoplásmico dentado.

Las diferencias altamente significativas obtenidas en familias dentro de grupos en ambos complejos, nos indican en forma general la existencia de variabilidad genética. Así mismo, sugieren la existencia de familias de buen comportamiento en caracteres de interés agronómico, que permitan sean seleccionadas las líneas adecuadas para su recombinación y obtener así el material básico del siguiente ciclo de selección con una mayor adaptabilidad a diferentes ambientes.

En referencia a los valores obtenidos para ambos complejos, en los coeficientes de variación genética, los caracteres para los cuales se espera un mayor avance genético en base a la variación que presentan son: mala cobertura, acame de raíz y de tallo.

LITERATURA CITADA

- Alvarado, L. (1987). Efectos genéticos y heterosis en cultivares tropicales de maíz. Trabajo presentado en la XXXIII reunión anual del PCCMCA. Guatemala. Pág. 81-110.
- Bhole, G.R. and R.C. Patil. 1985. Genotypic and phenotypic correlations in maize. Maize Abstracts. Vol. 1 No. 1. pág. 134.
- Bruce, A.B. 1910. The Mendelian theory of heredity and the augmentation of vigor. Science 32:627-628.
- Castellanos, J.S., H.S. Córdoba, J.L. Guemé, L. Larios y C., Pérez. 1987. Aptitud combinatoria y predicción de híbridos de cruza dialélicas entre líneas S3 evaluadas en cuatro localidades de Guatemala. Trabajo presentado en la XXXIII reunión anual del PCCMCA. Guatemala. Pág. 58-73.
- Celis, A. H., J. D. Molina, y G. A. Martínez 1986. Estimación de parámetros genéticos e índices de selección de la variedad de maíz (*Zea mays* L.). Zac. 58. Agrociencia 63:121-138.
- CIMMYT. 1982. CIMMYT Hybrid Maize Program. Centro Internacional de Mejoramiento de Maíz y Trigo

(CIMMYT). México. Pág. 12.

Comstock, R.E. and R.H. Moll. 1963. Genotype environment interactions. Stat. Genet. and Plant Breeding U.S.A. 982:164-196.

Comstock, R.E., H.F. Robinson and P.H. Harvey. 1949. A breeding procedure designed to make maximum use of both general and specific combining ability. Agronomy Journal 41:360-367.

Cortez, M.H., C.A. Rodríguez, G.M. Gutiérrez, I.J. Durón, C.R. Birón and G.M. Oyervides. 1985. Evaluation of broad-base improved populations of maize (*Zea mays* L.) I. Cumulative Gene Effects and Heterosis. Boletín informativo de la U.A.A.A.N.. Pág. 43.

Covarrubias, F.J. 1977. Evaluación de híbridos de maíz derivados de H-309 mediante selección recíproca recurrente. Tesis de Licenciatura. UACH. Pág. 82.

Crossa, J., C.O. Gardner and R. F. Mumm. 1987. Heterosis among populations of maize (*Zea mays* L.) with different levels of exotic germoplasm. Theoretical and Applied Genetics 73(3) 445-450

Darrah, L.L., S.A. Eberhart and L.H. Penny, 1972. A maize breeding methods study in Kenia. Crop Sci. 12:605-608.

- Dolstra, G. 1985. Shortening the selection cycle of reciprocal recurrent selection in maize (*Zea mays* L.) Maize Abstracts Vol. 1 No5 pág. 257.
- Eberhart, S.A., S. Debela and A. R. Hallauer. 1973. Reciprocal recurrent selection in the BSSS and BSCBI maize populations and half-sib selection in BSSS. Crop Sci. 13:451-456.
- Eberhart, S.A., M. N. Harrison and F. Ogada 1967. comprehensive breeding system. Züchter 37:169-174.
- Fakorede, M.A.B. 1979. Interrelationships among grain yield and agronomic traits in a synthetic population of maize. Maydica 24:181-192.
- Falconer, D.S. 1980. Introducción a la genética cuantitativa . 13ª impresión. Cia. Editoria Continental, S.A. México. pág. 383.
- Galarza, N.A., H.A. Angeles y J.G. Molina. 1973. Estudio comparativo entre la prueba de líneas per se y la prueba de mestizos para evaluar aptitud combinatoria general de líneas S1 de maíz (*Zea mays* L.). Agrociencia 11:127-139.
- García, E. 1973. Modificaciones al sistema de clasificación climática de Köppen. Instituto de Geografía, México UNAM. Pág. 246.

- Gardner, C.O. and S.A. Eberhart. 1966. A general model for genetic effects. *Biometrics* 22:864-881.
- Goldenberg, J.B. 1968. El empleo de la correlación en el mejoramiento genético de las plantas. *Fitotecnia Latinoamericana* 5(2):1-8.
- Gutiérrez, M.A., M.H. Cortez y J.I. Durón. 1985. Evaluación de cruzas entre poblaciones de maíz (*Zea mays* L.) tropicales y templados. Trabajo presentado en la XXXI reunión anual del PCCMCA. San Pedro Sula, Honduras. Págs. 1-17.
- Hallauer, A.R. 1970. Genetic variability for yield after four cycles of reciprocal recurrent selections in maize. *Crop Sci.* 10:482-485.
- Hallauer, A.R. 1978. Recurrent selection programs. *Illinois Corn Breeders Sch.* 14:28-45.
- Hallauer, A.R. and S.A. Eberhart 1970. Reciprocal full-sib selection. *Crop Sci.* 10:315-316.
- Hallauer, A.R. and J.B. Miranda, Fo. 1981. Quantitative genetics in maize breeding. Iowa State University Press/Ames. p. 89-91, 118-150. United States of America.

- Helms, T.C. 1987. Evaluation of three recurrent selective methods in corn (*Zea mays* L.) Maize Abstracts Vol 3 No 6 pág. 370.
- ✓ Jones, D.F. 1917. Dominance of linked factors as a means of accounting for heterosis. Proc. Nat. Acad. Sci Wash. 3:310-312.
- Khehra, A.S., B.S. Dhillan, N.S. Malhi, S.S. Pal, V.K. Saxena, V.V. Malhotra, 1987. Reciprocal recurrent selection multitrait indices in maize. Euphytica 35(3) 817-822.
- Lambert, R.J. 1984. Reciprocal recurrent selection of maize in a high-yield environment. Maydica 29(4) 419-430
- Lerner, L.M. 1961. The genetic basis of selection New York. John Wiley and Sons, Inc. U.S.A. pág 298.
- Lidanski, T., L. Todorova and Ya. Velikova, 1987. Correlation and path coefficient analysis of yield in hybrids of maize with teosinte. Maize Abstract Vol. 3 No6 pág. 372.
- Moll, R.H. and C.W. Stuber. 1971. Comparisons of responses to alternative selection procedures initiated with two populations of maize (*Zea mays* L.). Crop Sci 11:706-711.

- Moll, R.H. and W.D. Hanson, 1984. Comparisons of effects of intrapopulation vs. interpopulation selection in maize. *Crop Sci.* 24(6):1047-1052.
- ✓ Moll, R.H., W.S. Salhuana and H.F. Robinson 1961. Heterosis and genetic diversity in variety crosses of maize. *Crop Sci.* 2: 197-198.
- Moll, R.H., A. Bari and C.W. Stuber. 1977. Frequency distributions of maize yield before and after reciprocal recurrent selection. *Crop Sci.* 17:744-796.
- Moreno, G.J. 1986. Choice of environments in reciprocal recurrent selection programs. *Theoretical and Applied Genetics* 71(4) 652-656.
- Obilana, A.T.; A.R. Hallauer and O.S. Smith. 1979. Estimate genetic variability in a maize interpopulation. *Journal of Heredity* 70:127-132.
- Oyervides, G.M.; A.R. Hallauer and H. Cortez M. 1984. Evaluation of improved maize populations in Mexico and the U.S. Corn Belt. *Crop Sci.* 25:115-120.
- Paterniani, E. 1967. Selection among and within half-sib families in a Brazilian population of maize. *Crop Sci.* 7:212-215.

- Paterniani, E. and R. Vencovsky. 1978. Reciprocal recurrent selection based on half-sib progenies and prolific plants in maize (*Zea mays* L.) *Maydica* 23:209-219.
- Penny, L.H. and S.A. Eberhart. 1971. Twenty years of reciprocal recurrent selection with two synthetic varieties of maize. *Crop Sci.* 11:900-903.
- Prasad, S.K. and T.P. Singh. 1986. Heterosis in relation to genetic divergence in maize (*Zea mays* L.) *Euphytica* 35(3) 919-924.
- Robinson, H.F. and Cockerham, C.C. 1961. Heterosis and inbreeding depression in populations involving two open-pollinated varieties of maize. *Crop Sci.* 1:68-71.
- Russel, W.A. and S.A. Eberhart. 1975. Hybrid performance of selected maize lines from reciprocal recurrent and testcross selection program. *Crop Sci.* 15: 1-4.
- Santos, M.X. and V. Naspolini-Filho. 1987. Estimates of genetic parameters in three cycles of selection among and within half-sib families of the Dentad Composto Nordeste population of maize (*Zea mays* L.). *Maize Abstracts* Vol. 3, No 2, pág. 70.

Sarca, T. and I. Ciocazanu. 1987. Effects of reciprocal recurrent selection on some early maize populations for use as a second crop. Maize Abstracts Vol. No 4, pág. 218.

Satterthwaite F.E. 1946. An approximate distribution estimates of variance components. Biometrical Bulletin 2:110-114.

Shull, G.H. 1908. The composition a field of maize. Breeders' Assoc. Rep. 4:296-301.

Smith, O.S. 1984. Comparisons of effects of reciprocal recurrent selection in the BSSS(R), BSCBI(R) and Bso populations. Maydica 29:1-8.

Steel, R.D. and J.H. Torrie. 1986. Biestadística: Principios y Procedimientos. 1ª edición. McGraw Hill de México, S.A. de C.V. pág. 622.

Vasal, S.K., C.A. Ortega and S. Pandey. 1987. Programa manejo, mejoramiento y utilización del germoplasma de maíz en el CIMMYT. Centro Internacional de Mejoramiento de Maíz y Trigo (CIMMYT). México. Pág.

Walejko, R.N. and W.A. Russell. 1977. Changes in plant ear traits caused by recurrent selection for yield in two open-pollinated maize varieties. Maydica 22:133-139.